

Risultati. I prodotti della PCR hanno rivelato la presenza in entrambi i tessuti di HPV. Nel caso della laringe si tratta di un HPV 18, mentre nel tessuto metastatico la genotipizzazione ha mostrato la presenza di una coinfezione HPV 16-31-45.

Conclusioni. I risultati ottenuti da un lato confermano il probabile nesso causale tra HPV e lesioni del cavo orale e, dall'altro sembrerebbero dimostrare che questo virus è presente anche in tessuti diversi dagli epitelii e le mucose.

CO1.3

EVOLUZIONE DELLE ESBL IN ITALIA: DIFFUSIONE DI UN CEPPO DI KLEBSIELLA PNEUMONIAE CTX-M-15 E MULTI-RESISTENTE

**Mugnaioli C.¹, Bassano M.², Brecciaroli F.³,
Frontini P.⁴, Ghiandoni M.G.⁵, Migalli A.⁶,
Verna G.⁴, Manso E.⁴, Rossolini G.M.¹**

¹Dipartimento di Biologia Molecolare,
Università degli Studi di Siena.

²Ospedale di San Severino Marche.

³Ospedale di Jesi.

⁴Laboratorio di Microbiologia degli Ospedali Riuniti di Ancona.

⁵Ospedale di Fano.

⁶Ospedale di Senigallia.

Introduzione. Le β -lattamasi a spettro-esteso (ESBL) svolgono nelle *Enterobacteriaceae* un ruolo cruciale come determinanti di resistenza alle cefalosporine a spettro esteso. Recentemente le ESBL del tipo CTX-M si sono rapidamente diffuse in diversi ambienti. La diffusione a livello italiano di questi enzimi in *Escherichia coli* è risultata notevole (54,8% dei produttori di ESBL) mentre in *Klebsiella pneumoniae* la loro prevalenza è molto più limitata (12,3% dei produttori di ESBL). In questo lavoro abbiamo descritto la rapida diffusione a livello regionale di un ceppo multi-resistente (MDR) di *K.pneumoniae* produttore di CTX-M-15.

Metodi. La chemiosensibilità è stata analizzata come raccomandato dal CLSI. La clonalità degli isolati è stata stabilita attraverso RAPD. I determinanti ESBL sono stati rilevati per mezzo della PCR e sequenziamento degli ampliconi. Il trasferimento dei geni di resistenza è stato saggiato attraverso esperimenti di coniugazione. La caratterizzazione plasmidica è stata effettuata attraverso l'analisi RFLP.

Risultati. Durante il periodo ottobre 2005 - giugno 2006, 65 isolati di *K.pneumoniae* consecutivi nonreplacati, ESBL positivi e con un fenotipo MDR (resistenza ai β -lattamici eccetto i carbapenemi, agli aminoglicosidi ed ai fluorochinoloni), sono stati inviati al Laboratorio di Clinica Microbiologia regionale della

regione Marche da otto diversi ospedali. La maggior parte degli isolati proveniva dai reparti di rianimazione, mentre una minoranza da quelli di medicina e chirurgia. L'analisi RAPD ha stabilito la relazione clonale fra gli isolati, che sono risultati tutti positivi per la presenza del gene *bla*_{CTX-M-15}. *Bla*_{CTX-M-15}, codificato da un plasmide coniugativo, è stato efficientemente trasferito in *E.coli* (frequenza di coniugazione nell'ordine di 10⁴ transconiugante per ricevente). Attraverso l'analisi RFLP, i plasmidi codificanti per il gene *bla*_{CTX-M-15} sono risultati apparentemente uguali in tutti gli isolati.

Conclusioni. I risultati di questo studio hanno sottolineato l'abilità di diffusione che può avere un clone di *K.pneumoniae* MDR, che ha acquisito un determinante di resistenza CTX-M-15.